**Blast 2 Sequences results**

PubMed

Entrez

BLAST

OMIM

Taxonomy

Structure

BLAST 2 SEQUENCES RESULTS VERSION BLASTP 2.2.5 [Nov-16-2002]

Matrix **BLOSUM62** gap open: **11** gap extension: **1**
x_dropoff: **50** expect: **10.00** wordsize: **3** **Filter** **Align**

Sequence 1 gi 3702836 hASIC3 [Homo sapiens] Length 531

Sequence 2 gi 13592019 P2X3 [Rattus norvegicus] Length 397

No significant similarity was found

Align two sequences

Tue Apr 15 17:04:02 BST 2003

```
/usr/tmp/seq1.214485.sca : 397 aa
>gi|13592019|ref|NP_112337.1| P2X3 [Rattus norve 397 aa vs.
>gi|3702836|gb|AAC62935.1| hASIC3 [Homo sapiens], 531 aa
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
15.7% identity; Global alignment score: -167
```

```
          10          20          30          40
/usr/t MNCIS-----DFFTYETTKSV-----VVKSWTI----GIINRAVQLLIISYFVGW
      :. :          :. . . . :. :          :. :          :. :
gi|370 MKPTSGPEEARRQPSDIRVFASNCMSHGLGHVFGPGSLSLRRGMWAAAVVLSVATFLYQV
          10          20          30          40          50          60

          50          60          70
/usr/t V-----FLHEKAYQVRDT---AIESSVVTKVKGFR-----YANRVM---DVS
      : : : : :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :
gi|370 AERVRYREFHHQTALDERESHRLVFPVAVTLCNINPLRRSRLTPNDLHWAGSALLGLDPA
          70          80          90          100          110          120

      80          90          100          110          120          130
/usr/t DYVT-----PPQGTSVFVITKIIVTENQMGGFCPENEEKYRCVSDSQ-CGPERFPGG
      :. : :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :
gi|370 EHAAFLRALGRPPAPPG-FMPSPTFDMAQLYARAGHSLDDMLLDCRFRGQPCGPENFTTI
          130          140          150          160          170

          140          150
/usr/t GILTGRVCVNYSS-----VLRTC-----EIQG-----W-----CPTEVD---
      :. : :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :
gi|370 FTRMGKCYTFNSGADGAELLTTTRGGMGNGLDIMLDVQQEEYLPVWRDNEETPFEVGIRV
          180          190          200          210          220          230

          160          170          180          190          200
/usr/t ---TVEMPIMME-----AENFTIFI---KNSIRF---PLFNFEKGNLLPNLTDKDIKRC
      : : :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :
gi|370 QIHSQEEPPPIIDQLGLGVSPGYQTFVSCQQQQLSFLPPPWGDCSSASLNPNY-EPEPSDP
          240          250          260          270          280          290

          210          220          230          240          250          260
/usr/t RFHPEKAPFCPILRVGDVVKFAGQDFAKLARTGGVLGIKIGW---VCDLDKAWDQCIPKY
      : : :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :
gi|370 LGSPSPSPSPPYTLMG--CRLACET-RYVARKCGCRMVMPGDVPVCS-PQQYKNC----
          300          310          320          330          340          350

          270          280          290          300
/usr/t SFTRLGVSEKSSVS---PGYNFRFAKYKYM---ENGSEYRTLK-----A
      :. : :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :. :
gi|370 AHPAIDAILRKDSCACPNPCASTRYAKELSMVRI PSRAAARFLARKLNRSEAYIAENVLA
          360          370          380          390          400          410
```

Sequence Alignment Output

4/15/03 12:05 PM

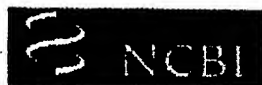
```
      310      320      330      340
/usr/t FGIRFDVLVYGNAGK-----FNIIPTIISSVAAFTSVGVGTVL-----CDII---LLN
. : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . :
gi|370 LDIFFEALNYETVEQKKAYEMSELLGDIGGQMGLFIGASLLTILEILDYLCEVFRDKVLG
      420      430      440      450      460      470
```

```
      350      360      370      380      390
/usr/t FLKGADHYKARKFEEVTETTLKGTASTN-----PVFASDQATVEKQSTDG--AYSIG
. : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . :
gi|370 YFWNRQHSQRHSSTNLLQEG-LGSHRTQVPHLSLGP RPPTPPCAVTKTLSASHRTCYLVT
      480      490      500      510      520
```

/usr/t H-

```
gi|370 QL
      530
```

Elapsed time: 0:00:00

**Blast 2 Sequences results**

PubMed

Entrez

BLAST

OMIM

Taxonomy

Structure

BLAST 2 SEQUENCES RESULTS VERSION BLASTP 2.2.5 [Nov-16-2002]

Matrix **BLOSUM62** gap open: **11** gap extension: **1**
x_dropoff: **50** expect: **10.00** wordsize: **3** **Filter** **Align**

Sequence 1 gi 3702836 proton-gated cation channel subunit [Homo sapiens]

Length 531

Sequence 2 gi 12643353 P2X purinoceptor 2 (ATP receptor) (P2X2) (Purinergic receptor) **Length 471**

N significant similarity was found

Align two sequences

Tue Apr 15 18:49:23 BST 2003

```
/usr/tmp/seq1.215975.sca : 472 aa
>gi|1352688|sp|P49653|P2X2_RAT P2X purinoceptor 2 472 aa vs.
>gi|3702836|gb|AAC62935.1|hASIC3 [Homo sapiens], 531 aa
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
17.1% identity; Global alignment score: -108
```

```

      10      20      30      40
/usr/t M-----VRRRLARGC-WSAFWDYETPKVIVVRNRRLGFFVHRMVQLLILLYF
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
gi|370 MKPTSGPEEARQPSDIRVFASNCMSHGLGHVFGPGSLSLR-RGMWAAAVVLSVATFLYQ
      10      20      30      40      50

      50      60      70      80
/usr/t V-----WYVFIVQKSYQDSETG---PESSI--ITKVKGITMSEDKV-WDVEEYV--KP
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
gi|370 VAERVRYREFHHQTALDERESHRLVFPVAVTLCNINPLRRSRLTPNDLHWAGSALLGLDP
      60      70      80      90      100     110

      90      100     110     120     130     140
/usr/t PEGGSVVSIITRIEVTPTSLGTCPEMRVHSSTCHSDDDCIAGQDLMQNGIRTGHCVF
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
gi|370 AEHAAFLRALGRPPAPPFGFMPSPFTDMAQLYARAGHSLDDML---LDCR---FRGQPCGP
      120     130     140     150     160     170

      150     160     170     180     190     200
/usr/t YYHGDSKTCEVSAWCPVEDGTSDNHFL-----GKMAPNFTIL--IKNSIHYPKFKFSKGN
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
gi|370 ENF--TTIFTRMGKCYTFNSGADGAELLTTTRGGMGNGLDIMLDVQQEEYLPVWR---DN
      180     190     200     210     220

      210     220     230     240     250     260
/usr/t IASQKSDYLKHCTFDQSDPYCPIFRLGFIVEKAGENFTELAHKGGVIGVIINWNCDDL
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
gi|370 EETPFEVGIRVQIHSQEEPP--IDQLGLGVSPGYQTFVSCQQQLSF-LPPFWG---DC
      230     240     250     260     270     280

      270     280     290     300     310
/usr/t SESECNPKYSFRRLLDPKYDPASSGYNFRFAKYKING---TTTTRTLIKAYGIRIDVIVH
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
gi|370 SSASLNPNYEPEPSDPLGSPSPSP-----SPPYTLMGCLACETRYVARKCGCRM-VYMP
      290     300     310     320     330

      320     330     340     350     360     370
/usr/t GQAGKFSLIPTIINLATALTSI-GVGSFLCDWILLTFMNKNKLYSHKKFDPKVRTPKHPSS
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
gi|370 GDVPVCSPQQYKNCAHPAIDAILRKDSCACPNPCASTR-----YA-KELSMVRIPSRAAA
      340     350     360     370     380     390
```

Sequence Alignment Output

4/15/03 1:50 PM

```

      380          390          400          410          420
/usr/t  RW-----PVTLA---LVLGQIPPPPSHYSDQPPSPPSGE-----GPTLGE--GAEL
      . . . . . : : : . . . . . : : : . . . . . : : :
gi|370  RFLARKLNRSEAYIAENVLALDIFFEALNYETVEQKKAYEMSELLGDIGGQMGLFIGASL
      400          410          420          430          440          450

      430          440          450
/usr/t  PLAVQS-PRPCSI-----SALTEQVVDTLGQH-----MGQRPPVP
      . . . . . : : . . . . . : : . . . . . : : : : :
gi|370  LTILEILDYLCEVFRDKVLGYFWNRQHSQRHSSTNLLQEGLGSHRTQVPHLSLGPRPPTP
      460          470          480          490          500          510

      460          470
/usr/t  EPSQQDSTSTDPKG---LAQL
      . . . . . : : :
gi|370  PCAVTKTLSASHRTCYLVTQL
      520          530
```

Elapsed time: 0:00:00